

Implementasi DNA Similarity Matching pada Perangkat Mobile dengan Sugeno Fuzzy Inference System

Fahmi Akbar Saputra, R. V. Hari Ginardi, Bilqis Amaliah

Teknik Informatika, Fakultas Teknologi Informasi, Institut Teknologi Sepuluh Nopember (ITS)

Jl. Arief Rahman Hakim, Surabaya 60111

E-mail: hari@its-sby.edu

Abstrak—STR analysis merupakan teknik DNA profiling yang populer digunakan untuk mendapatkan profil DNA manusia yang bersifat unik dari sampel biologis yang didapatkan. Profil DNA tersebut terdiri dari beberapa lokus STR yang ditetapkan sebagai standar. Dalam praktiknya, permasalahan timbul ketika dalam proses analisis terjadi kontaminasi terhadap sampel biologis. Akibatnya, profil hasil proses analisis memiliki nilai ketidakpastian (*uncertainty*) atau nilai pergeseran dan *noise*. Untuk permasalahan seperti ini, perangkat lunak bantu untuk proses pencocokan kemiripan DNA yang dikembangkan oleh National Institute of Standards and Technology (NIST), yaitu STR_MatchSamples, tidak mampu menangani. Hal ini dikarenakan STR_MatchSamples bekerja dengan logika *crisp*, sedangkan data profil DNA memiliki nilai-nilai ketidakpastian. Maka, untuk mengatasi permasalahan ketidakpastian pada profil DNA, digunakan sebuah metode *fuzzy* untuk pencocokan kemiripan DNA, yaitu sistem inferensi *fuzzy* Sugeno. Pada paper ini diberikan penjelasan mengenai metode sistem inferensi *fuzzy* Sugeno sebagai metode untuk pencocokan kemiripan DNA beserta implementasinya sebagai aplikasi *web service* yang bekerja pada sebuah *server*. Aplikasi tersebut dapat diakses oleh perangkat *mobile* bersistem operasi Android sebagai *client* aplikasi *web service* tersebut.

Kata Kunci—Android, DNA similarity matching, sistem inferensi *fuzzy* sugeno, *web service*

I. PENDAHULUAN

DNA profiling merupakan salah satu cara yang digunakan oleh tim ahli forensik untuk menganalisis bukti-bukti biologis (*biological evidence*) yang tertinggal di tempat kejadian perkara. Cara ini merupakan cara yang legal digunakan untuk pembuktian keterlibatan seseorang dalam tindakan kriminal, penentuan hubungan kekerabatan, dan pengenalan korban bencana alam. Bukti-bukti biologis yang dimaksud dapat berupa darah, cairan kelamin, air ludah, rambut, gigi, dan lainnya. DNA profiling terbukti efektif untuk menyelesaikan masalah-masalah yang telah disebutkan, berangkat dari pengetahuan bahwa setiap manusia memiliki molekul DNA yang unik antara satu dengan yang lain. Sebagai konsekuensinya, melakukan *profiling* pada bukti-bukti biologis yang ditemukan bisa mengarahkan pemeriksaan kepada tersangka-tersebut tertentu [1].

Dalam ilmu forensik, dikenal beberapa macam metode DNA *profiling*, yaitu *Restriction Fragment Length Polymorphism*

(RFLP) analysis, *Short Random Repeat (STR) typing*, *Mitochondrial DNA (mtDNA) analysis*, *Y chromosome analysis*, *X-chromosome STR Typing*, *Single Nucleotide Polymorphism (SNP) typing*, dan *Gender typing*. Metode RFLP merupakan metode pertama yang diperkenalkan. Akan tetapi, pada saat ini metode RFLP sudah tidak lagi digunakan dan kemudian digantikan dengan metode-metode lain yang lebih baik dan efisien [2].

Metode *profiling* STR merupakan metode yang populer digunakan untuk menggantikan metode RFLP. Oleh badan FBI (Federal Bureau of Investigation), metode ini diusulkan sebagai standar untuk melakukan DNA *profiling*. Sebagai hasilnya, metode *profiling* STR diterima oleh berbagai laboratorium forensik di dunia sebagai metode untuk melakukan *profiling*. Lebih lanjut, Badan FBI juga mengusulkan untuk menggunakan sejumlah lokus hasil *profiling* STR untuk keperluan identifikasi identitas manusia. Sejumlah lokus tersebut kemudian kemudian disebut sebagai profil DNA manusia. Tabel 1 memberikan contoh sebuah profil DNA manusia.

Profil DNA seseorang dapat dicocokkan kemiripannya dengan data profil DNA seorang lain. Untuk proses pencocokan kemiripan tersebut, badan NIST (National Institute of Standards and Technology) membuat sebuah perangkat lunak (*software*) bantu yang bernama STR_MatchSamples [3]. Hasil pencocokan dapat mengarahkan kepada kesimpulan-kesimpulan tertentu yang diperlukan oleh pihak-pihak yang berkepentingan.

Sebuah permasalahan timbul, jika pada proses *profiling* terjadi kontaminasi pada bukti-bukti biologis yang dikumpulkan dengan bahan kimia lain (terdegradasi kualitasnya). Sebagai hasilnya, profil DNA yang didapatkan akan mengandung nilai ketidakpastian (*uncertainty*). Untuk kasus ini, perangkat lunak bantu STR_MatchSamples tidak mampu menanganinya karena perangkat lunak STR_MatchSamples bekerja dengan logika *crisp*. Maka, untuk menangani permasalahan tersebut, Widyanto mengusulkan sebuah metode untuk mencocokkan kesamaan profil DNA. Secara garis besar, metode ini memanfaatkan metode *fuzzy* untuk menyelesaikan permasalahan ketidakpastian, yaitu sistem inferensi *fuzzy* Sugeno.

Lebih lanjut, dengan perkembangan teknologi yang semakin

pesat, perangkat *mobile* dapat dimanfaatkan untuk berbagai macam tujuan. Beberapa contoh pemanfaatannya adalah untuk memantau kondisi elektrokardiogram (ECG) [4], memantau tekanan darah [5], dan memantau kondisi pasien secara umum [6]. Tugas-tugas tersebut dapat dilakukan dengan memanfaatkan kelebihan-kelebihan yang dimiliki oleh perangkat *mobile*, salah satu diantaranya adalah kemudahan untuk terhubung dengan jaringan internet. Oleh karena itu, perangkat *mobile* dianggap semakin mampu untuk membantu atau turut campur dalam masalah kesehatan (*health intervention*) [7].

Berangkat dari kondisi yang telah disebutkan, pada paper ini akan dijelaskan tentang metode pencocokkan kemiripan profil DNA menggunakan sistem inferensi fuzzy Sugeno beserta dengan sistem pendukungnya. Sistem pendukung yang dimaksud adalah berupa perangkat lunak yang dapat ditanamkan pada perangkat *mobile* dengan sistem operasi Android. Proses pencocokkan kemiripan DNA kemudian dilakukan dengan mengirimkan profil DNA kepada sebuah server yang mampu menyediakan layanan web (*web service*) untuk proses pencocokkan kemiripan tersebut.

Tabel 1 Contoh Profil DNA

Lokus	Alel 1	Alel 2
AMEL	X	Y
CSFIPO	11	12
D13S317	10	13
D16S539	9	13
D18S51	16	16
D19S433	9	14
D21S11	31.2	32
D2S1338	19	22
D3S1358	17	18
D5S818	7	13
D7S820	11	12
D8S1179	13	16
FGA	20	23
TH01	7	9
TPOX	9	13
vWA	14	17

II. METODE

A. Pencocokan Kemiripan DNA dengan Sistem Inferensi Fuzzy Sugeno

Teknik pencocokkan kemiripan DNA dengan metode sistem inferensi fuzzy Sugeno dikembangkan untuk mengatasi kekurangan yang dimiliki oleh pencocokkan kemiripan DNA dengan logika *crisp* pada aplikasi perangkat lunak STR_MatchSamples. Terdapat 3 proses utama dalam metode ini, yaitu *fuzzy allele similarity*, *fuzzy inference rules*, dan *defuzzification*. Ketiga proses ini dilakukan terhadap setiap lokus non-amelogenin yang bersesuaian pada profil DNA. Oleh karena itu, ketiga proses ini harus dilakukan sebanyak 15 kali untuk setiap lokus pada profil DNA [8].

a. Fuzzy Allele Similarity

Pada proses ini, nilai setiap alel DNA pada lokus yang dibandingkan kemudian direpresentasikan sebagai bilangan *fuzzy* segitiga (*fuzzy triangular number*)

$A = (a1, a2, a3)$. Nilai $a2$ merupakan nilai alel DNA yang bersangkutan, sementara nilai $a1 = a2 - 0.2$ dan nilai $a3 = a2 + 0.2$. Oleh karena itu, bilangan *fuzzy* segitiga ini memiliki *fuzziness* sebesar 0.4. Untuk menghitung nilai kesamaan antara dua alel tersebut digunakan persamaan (1) berikut.

$$t = \frac{\frac{1}{2}(a3 - b1)}{(a3 - a2)} \quad (1)$$

Apabila perhitungan nilai t menghasilkan nilai kurang dari 0, maka nilai t dianggap bernilai 0 karena berarti tidak ada perpotongan antara kedua bilangan *fuzzy* segitiga. Sebagai konsekuensinya, nilai kemiripan alel dipastikan berada pada rentang inklusif 0 sampai dengan 1.

Rumus (1) digunakan untuk menghitung kemiripan pasangan nilai alel pada lokus yang bersesuaian, kecuali untuk lokus amelogenin. Hal ini dikarenakan lokus amelogenin menyimpan nilai X atau Y, sehingga untuk mencari nilai kemiripan lokus amelogenin dapat dilakukan perbandingan sederhana: jika 2 lokus amelogenin menyimpan nilai yang sama, maka nilai kemiripan antara keduanya sama dengan 1, selain itu nilai kemiripan keduanya sama dengan 0.

Proses *fuzzy allele similarity* dilakukan atas nilai-nilai alel pada dua lokus yang dibandingkan. Maka, hasil dari proses ini adalah dua buah nilai t yang kemudian dijadikan masukan untuk proses selanjutnya. Lebih lanjut, proses ini dilakukan sebanyak 15 kali karena pada sebuah profil DNA terdapat 15 buah lokus non-amelogenin.

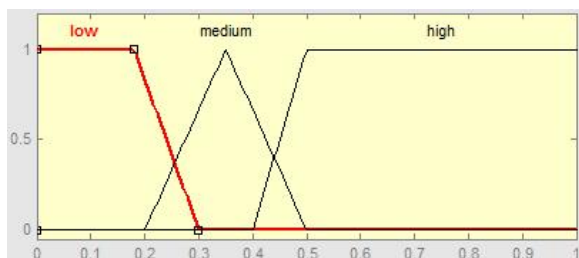
b. Fuzzy Inference Rules

Hasil dari proses perhitungan *fuzzy allele similarity* kemudian diinferensikan terhadap aturan-aturan *fuzzy*. Terdapat dua buah nilai t yang perlu diinferensikan terhadap aturan-aturan *fuzzy*, didefinisikan sebagai nilai $t1$ dan nilai $t2$. Berikut ini merupakan aturan *fuzzy* yang digunakan dalam proses *fuzzy inference rules*.

1. if $t1$ is low and $t2$ is low then similarity = 0
2. if $t1$ is low and $t2$ is medium then similarity = 0
3. if $t1$ is low and $t2$ is high then similarity = 0.5
4. if $t1$ is medium and $t2$ is low then similarity = 0
5. if $t1$ is medium and $t2$ is medium then similarity = 0.5
6. if $t1$ is medium and $t2$ is high then similarity = 1
7. if $t1$ is high and $t2$ is low then similarity = 0.5
8. if $t1$ is high and $t2$ is medium then similarity = 1
9. if $t1$ is high and $t2$ is high then similarity = 1

Untuk bagian *antecedent*, didefinisikan fungsi keanggotaan seperti pada Gambar 1 berikut. Fungsi keanggotaan digunakan untuk proses fuzzifikasi nilai $t1$ dan nilai $t2$ terhadap himpunan *fuzzy* yang ada, yaitu himpunan *fuzzy low*, himpunan *fuzzy medium*, dan

himpunan *fuzzy high*. Fungsi keanggotaan untuk himpunan *fuzzy low* merupakan fungsi keanggotaan trapezoid $f(x; 0, 0, 1, 8, 0, 3)$. Fungsi keanggotaan untuk himpunan *fuzzy medium* merupakan fungsi keanggotaan segitiga $f(x; 0, 2, 0, 35, 0, 5)$. Fungsi keanggotaan untuk himpunan *fuzzy high* merupakan fungsi keanggotaan trapezoid $f(x; 0, 4, 0, 5, 1, 1)$.



Gambar 1 Fungsi Keanggotaan untuk Antecedent

Untuk bagian konsekuen, didefinisikan tiga konstanta, yaitu $f = 0$ untuk nilai kesamaan rendah (*low*), $f = 0.5$ untuk nilai kesamaan menengah (*medium*), dan $f = 1$ untuk nilai kesamaan yang tinggi (*high*).

Maka, hasil dari proses *fuzzy inference rules* ini adalah sembilan buah nilai w yang merupakan nilai-nilai hasil inferensi nilai $t1$ dan $t2$ terhadap masing-masing aturan *fuzzy*.

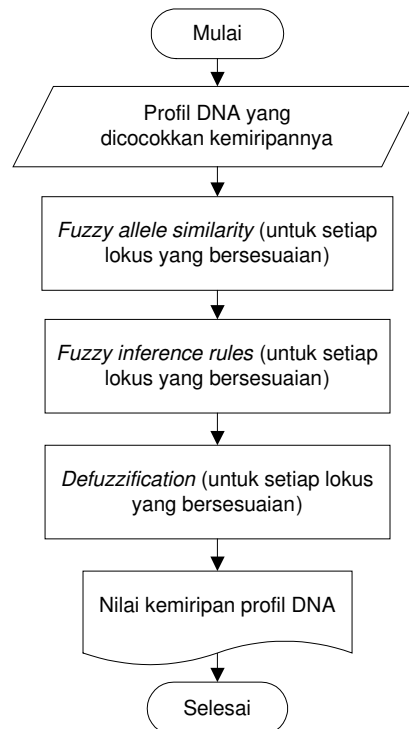
c. Defuzzification

Tahap terakhir dalam pencocokan kemiripan DNA adalah proses *defuzzification* atau defuzzifikasi. Teknik defuzzifikasi dilakukan untuk mendapatkan nilai akhir kemiripan lokus berdasarkan hasil dari proses inferensi aturan *fuzzy*. Teknik yang digunakan pada proses ini adalah *weighted average*. Dengan *weighted average*, setiap nilai hasil inferensi terhadap aturan *fuzzy* (w) dikalikan dengan nilai konstan pada bagian *consequent* (z), kemudian dijumlahkan. Hasil penjumlahan tersebut kemudian dibagi dengan penjumlahan nilai w . Persamaan (2) menjelaskan perhitungan nilai hasil defuzzifikasi.

$$\text{Hasil defuzzifikasi} = \frac{\sum_i w_i * z_i}{\sum_i w_i} \quad (2)$$

Langkah defuzzifikasi menghasilkan sebuah nilai bilangan real pada rentang inklusif 0 sampai dengan 1 yang menyatakan nilai kemiripan antara lokus yang bersesuaian pada profil DNA yang dicocokkan.

Ketiga langkah tersebut secara umum dapat digambarkan dengan diagram alir pada Gambar 2 berikut.

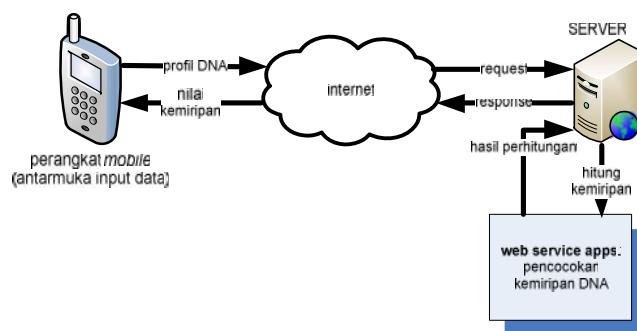


Gambar 2 Diagram Alir Pencocokan Kemiripan Profil DNA

B. Desain Arsitektur Sistem Perangkat Lunak

Secara umum, sistem perangkat lunak yang dibangun untuk pencocokan kemiripan DNA ditampilkan pada Gambar 3 berikut.

Pada sistem perangkat lunak, terdapat sebuah *server* yang berperan sebagai penyedia layanan (*web service*) untuk melakukan proses pencocokan kemiripan profil DNA atas profil DNA yang dikirimkan kepadanya. Data hasil proses pencocokan kemiripan pada *server* kemudian dikirimkan kembali kepada *client*. Dalam hal ini, *client* merupakan perangkat *mobile* bersistem operasi Android. Data yang dikirimkan kepada *server* dan data hasil proses pencocokan kemiripan akan dijelaskan pada sub-bab selanjutnya.



Gambar 3 Desain Arsitektur Sistem Perangkat Lunak

Untuk dapat mengirimkan profil DNA, pada perangkat

mobile perlu ditanamkan sebuah aplikasi yang mampu memberikan antarmuka untuk memasukkan profil DNA yang akan dicocokkan kemiripannya, mengirimkannya kepada *server*, serta menerima sekaligus menampilkan nilai hasil proses pencocokan kemiripan profil DNA yang dilakukan oleh *web service* pada *server*.

III. IMPLEMENTASI DAN UJI COBA

A. Implementasi Perangkat Lunak Client pada Perangkat Mobile Bersistem Operasi Android

Untuk dapat menjalankan fungsi pencocokan kemiripan profil DNA, perlu dibuat aplikasi perangkat lunak yang dapat berjalan pada perangkat *mobile* bersistem operasi Android. Aplikasi tersebut dikembangkan dengan bahasa pemrograman Java dan mampu berjalan pada sistem operasi *mobile* Android. Gambar 4 merupakan potongan kode aplikasi *client* Android untuk menghubungi aplikasi *web service* pencocokan kemiripan profil DNA.

1	<code>private static final String SOAP_ACTION =</code>
2	<code>"http://tempuri.org/CalculateSimilarity";</code>
3	<code>private static final String SOAP_METHOD =</code>
4	<code>"CalculateSimilarity";</code>
5	<code>private static final String NAMESPACE =</code>
6	<code>"http://tempuri.org/";</code>
7	<code>private static final String URL =</code>
8	<code>"http://dnasim.if.its.ac.id/DNASimService/SimilarityService.asmx";</code>
9	<code>(...)</code>
10	<code>Button btHitung = (Button)</code>
11	<code>findViewById(R.id.btHitung1);</code>
12	<code>btHitung.setOnClickListener(new OnClickListener() {</code>
13	<code>public void onClick(View v) {</code>
14	<code>if (!profile1.isEmpty() && !profile2.isEmpty())</code>
15	<code>{</code>
16	<code>SoapObject request = new</code>
17	<code>SoapObject(NAMESPACE, SOAP_METHOD);</code>
18	<code>(...)</code>
19	<code>envelope.dotNet = true;</code>
20	<code>envelope.setOutputSoapObject(request);</code>
21	<code>(...)</code>
22	<code>transport.call(SOAP_ACTION, envelope);</code>
23	<code>result = (Object) envelope.getResponse();</code>
24	<code>(...)</code>
25	<code>}</code>

Gambar 4 Potongan Kode untuk Meminta Service Pencocokan Kemiripan Profil DNA kepada Server

Seperti didefinisikan pada baris 3 pada Gambar 4, aplikasi memanggil fungsi pencocokan kemiripan profil DNA, yaitu fungsi *calculateSimilarity* yang merupakan fungsi pada aplikasi *web service* pencocokan kemiripan profil DNA.

Hasil yang didapatkan dari pemanggilan *web service* disimpan pada variabel bernama *result* seperti dijelaskan pada Gambar 4 baris 15 di atas. Pada variabel tersebut, disimpan nilai kemiripan profil DNA yang dicocokkan kemiripannya.

Dengan aplikasi ini, pengguna dapat mengirimkan profil DNA yang akan dicocokkan kemiripannya kepada *web service* pada *server* untuk diproses.

B. Implementasi Aplikasi Perangkat Lunak Web Service

Aplikasi *web service* untuk pencocokan kemiripan profil DNA dikembangkan dengan bahasa pemrograman C# pada sebuah *project* ASP.NET *web application*. Aplikasi ini kemudian ditempatkan pada sebuah *web server* untuk dijadikan sebagai *web service* yang dapat memberikan layanan untuk pencocokan kemiripan profil DNA. *Web server* yang digunakan adalah Microsoft IIS. WSDL (*Web Service Description Language*) yang mendeskripsikan fungsi-fungsi *web service* ini ditampilkan pada Gambar 5. WSDL yang ditampilkan merupakan sebagian dari keseluruhan, hanya menekankan kepada bagian yang mendeskripsikan mengenai operasi yang didukung oleh *web service* ini, yakni pencocokan kemiripan DNA

1	<code><wsdl:operation name="calculateSimilarity"></code>
2	<code><soap12:operation</code>
3	<code>soapAction="http://tempuri.org/CalculateSimilarity" style="document"/></code>
4	<code><wsdl:input></code>
5	<code><soap12:body use="literal"/></code>
6	<code></wsdl:input></code>
7	<code><wsdl:output></code>
8	<code><soap12:body use="literal"/></code>
9	<code></wsdl:output></code>
10	<code></wsdl:operation></code>

Gambar 5 WSDL Aplikasi Web Service

C. Uji Coba Metode Fuzzy untuk Pencocokan Kemiripan DNA

Berikut ini disajikan tabel hasil skenario uji coba terhadap beberapa profil DNA yang dicocokkan kemiripannya dengan metode sistem inferensi fuzzy Sugeno. Ditampilkan pula hasil perhitungan kemiripan dengan aplikasi perangkat lunak pembandingan, yaitu STR_MatchSamples.

Tabel 2 Hasil Uji Coba Skenario Pertama

	Sistem inferensi fuzzy Sugeno	STR_MatchSamples
uji coba 1	0.75	0.741
uji coba 2	0.21875	0.276
uji coba 3	0.67325	-

Tabel 2 menunjukkan hasil dari 3 uji coba pada skenario pertama. Uji coba 1 merupakan pencocokan kemiripan profil DNA 09038_1 (ibu) dan profil DNA 09038_2 (anak). Uji coba 2 merupakan pencocokan kemiripan profil DNA 09038_2 (anak) dan profil DNA 09038_3 (ayah). Sementara itu, uji coba 3 merupakan pencocokan kemiripan DNA antara profil anak dengan profil kedua orang tuanya (ibu dan ayah).

Tabel 3 Hasil Uji Coba Skenario Kedua

	Sistem inferensi fuzzy Sugeno	STR_MatchSamples
uji coba 1	0.625	0.621
uji coba 2	0.5	0.552
uji coba 3	0.8125	-

Tabel 3 menunjukkan hasil dari 3 uji coba pada skenario kedua. Uji coba 1 merupakan pencocokan kemiripan profil DNA 08010_1 (ibu) dan profil DNA 08010_2 (anak). Uji coba 2 merupakan pencocokan kemiripan profil DNA 08010_2

(anak) dan profil DNA 08010_3 (ayah). Sementara itu, uji coba 3 merupakan pencocokan kemiripan DNA antara profil anak dengan profil kedua orang tuanya (ibu dan ayah).

Skenario uji coba 3 merupakan uji coba pencocokan kemiripan antara profil DNA yang tidak memiliki hubungan kekerabatan. Profil DNA yang digunakan dalam skenario ini adalah profil DNA JT64 dan profil DNA JT72. Hasil perhitungan dengan metode sistem inferensi fuzzy Sugeno menghasilkan nilai 0.46875, sementara aplikasi STR_MatchSamples menghasilkan nilai 0.483.

Sesuai dengan kesimpulan yang ditarik oleh [8], metode sistem inferensi fuzzy Sugeno memberikan nilai perhitungan yang lebih realistis dibandingkan nilai perhitungan yang dihasilkan oleh aplikasi STR_MatchSamples. Hal ini berarti, untuk profil DNA yang mirip satu sama lain, nilai kemiripan yang dihasilkan oleh sistem inferensi fuzzy Sugeno akan semakin besar dibandingkan dengan nilai kemiripan yang dihasilkan oleh aplikasi STR_MatchSamples. Sementara, untuk profil DNA yang tidak mirip satu sama lain, nilai kemiripan yang dihasilkan oleh sistem inferensi fuzzy Sugeno akan semakin kecil dibandingkan dengan nilai kemiripan yang dihasilkan oleh aplikasi STR_MatchSamples. Hal ini juga berlaku untuk profil DNA yang tidak memiliki hubungan kekerabatan, yaitu nilai kemiripan yang dihasilkan metode sistem inferensi fuzzy Sugeno akan semakin rendah dibandingkan dengan nilai kemiripan yang dihasilkan oleh aplikasi STR_MatchSamples.

IV. KESIMPULAN

Pada paper ini telah dijelaskan mengenai metode sistem inferensi fuzzy Sugeno untuk pencocokan kemiripan profil DNA. Metode ini dapat digunakan untuk mengatasi masalah nilai ketidakpastian yang dimiliki oleh profil DNA. Selain itu, pada paper ini juga dijelaskan mengenai implementasi sistem perangkat lunak pendukung proses pencocokan kemiripan DNA yang terdiri dari aplikasi *client* yang berjalan pada perangkat mobile Android dan aplikasi *web service* yang ditanamkan pada sebuah *server*. Aplikasi *client* tersebut digunakan untuk mengonsumsi *service* yang diberikan oleh aplikasi *web service* pencocokan kemiripan DNA.

Uji coba terhadap metode sistem inferensi fuzzy Sugeno menunjukkan bahwa metode ini menghasilkan nilai kemiripan yang lebih realistis dibandingkan dengan nilai kemiripan yang dihasilkan oleh aplikasi STR_MatchSamples.

UCAPAN TERIMA KASIH

Ucapan terima kasih diberikan kepada Bapak Dr. Tech. Ir. R. V. Hari Ginardi, M.Sc. dan Ibu Bilqis Amaliah, S.Kom, M.Kom atas bimbingan yang diberikan kepada penulis selama mengerjakan Tugas Akhir.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] A. TUG, "Forensic DNA Analysis and the Importance of DNA Analysis in the Turkish Legal System," *Ankara Law Review*, vol. 2, no. 1, pp. 49-59, (2005).
- [2] B. Manjunath, B. Chandrashekar, M. Mahesh and R. V. Rani, "DNA Profiling and forensic dentistry - A review of the recent concepts and trends," *Journal of Forensic and Legal Medicine*, vol. 18, pp. 191-197, (2011).
- [3] J. M. Butler, "A new resource for the forensic genetics community available on the NIST STRBase website," *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, pp. 97-99, (2008).
- [4] C. Wen, M.-F. Yeh, K.-C. Chang and R.-G. Lee, "Real-time ECG telemonitoring system design with mobile phone platform," *Measurement*, vol. 41, pp. 463-470, (2008).
- [5] J. Bai, Y. Zhang, D. Shen, L. Wen, C. Ding, Z. Cui, F. Tian, B. Yu, B. Dai and J. Zhang, "A Portable ECG and Blood Pressure Telemonitoring System," *IEEE Engineering in Medicine and Biology*, (1999).
- [6] P. Pawar, V. Jones, B.-J. F. Beijnum and H. Hermens, "A framework for the comparison of mobile patient monitoring system," *Journal of Biomedical Informatics*, (2012).
- [7] P. Klasnja and W. Pratt, "Healthcare in the pocket: Mapping the space of mobile-phone health interventions," *Journal of Biomedical Informatics*, vol. 45, pp. 184-198, (2012).
- [8] M. R. Widyanto, N. Soedarsono, N. Katayama and M. Nakao, "Various Defuzzification Methods on DNA Similarity Matching Using Fuzzy Inference System," *Journal of Advanced Computational Intelligence and Intelligent Informatics*, vol. 14, no. 3, pp. 247-255, (2010).